Éléments de correction du devoir de contrôle n°2 [2019-2020]

I) QCM (5 points)

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
b - d	a	b	c - d	a	b - d	b	c - d	a	a

II) QROC (tissu nerveux) : (3 points)

1) Légende document 1 **(0,75 pt)**

1	2	3	4
Corps cellulaire	Dendrites	Nœud de Ranvier	Gaine de myéline
5	**6**	**7**	**8**
Axone	Cellule gliale	Substance grise	Substance blanche

2) **(0,25 x 4 = 1 pt)**

Structure	Structure N° 7	Structure N°8
Emplacement	Corne antérieure de la substance grise de la moelle épinière	Substance blanche de la moelle épinière
justification	Corps cellulaire multipolaire	Fibre nerveuse centrale avec gaine de myéline.

3) **(0,25 x 2 = 0,5 pt)**

	Document 2	Document 3
Reconnaissance	Neurones en T	Cellules de Purkinje ou neurone bipolaire
Emplacement	Ganglion spinal	Cortex cérébelleux (Substance grise du cervelet)

4)) **(0,75 pt)**

	Jonction A	Jonction B
Reconnaissance	Synapse axo-somatique	Synapse axo-dendritique
Emplacement et Justification	Substance grise de la moelle épinière Le neurone poste synaptique est un neurone multipolaire	

III) Évolution biologique (4 points)

1) **(1 + 0,75 = 1,75 pt)**

- L'arbre phylogénétique, montre que les deux espèces les plus apparentées, c'est-à-dire les espèces qui montrent le maximum de ressemblance sont la **souris** et le **coq** elles devraient correspondre aux espèces **B** et **C** qui présentent le maximum de ressemblance et le minimum de différences. - Les deux espèces les moins apparentées possèdent l'ancêtre commun le plus éloigné dans le temps, donc le maximum de différence. Ce sont la **souris** et le **salamandre.** Elles correspondent aux espèces **C** et **A**.	Donc l'espèce **C** est la **souris**, l'espèce **B** est le **coq** et par la suite l'espèce **A** est le **salamandre**.

2) **(1 pt)**

Les ressemblances constatées entre la séquence d'acides aminés de la chaîne alpha de l'hémoglobine de ces trois espèces comparées deux à deux, montre qu'il s'agit de molécules homologues. Cette homologie plaide en faveur d'un lien de parenté entre ces espèces donc l'existence d'un ancêtre commun qui aurait évolué au cours du temps géologique.

Les différences constatées entre ces molécules homologues s'expliquent par leurs divergences à partir d'un modèle original, par l'accumulation de mutations qui auraient touché un gène ancestral chez l'ancêtre commun, pour donner des gènes codant pour la synthèse de ces molécules homologues chez les espèces actuelles. Il s'agit d'une évolution moléculaire.

B) **(0,5 + 0,75 = 1,25 pt)**

Exploitations	Conclusions
Information 1 : Tous les vertébrés possèdent le gène de LH apparus il y a environ 500 millions d'années.	On peut penser que le gène HCG provient du gène de la LH, ancestral par duplication. Cette duplication date de l'apparition des mammifères placentaires, il y a environ -55 millions d'années. Gène LH Gène HCG Mutations ponctuelles -50 MA Duplication gène LH -500 MA Gène LH
Information 2 : Seuls les Mammifères placentaires, notamment les primates possèdent le gène de HCG.	
Information 3 : Les deux gènes qui codent pour ces deux hormones sont localisés sur le même chromosome.	
Information 4 **:** Le document 3 montre que 6 nucléotides parmi 156 diffèrent entre ces deux gènes, c'est dire 150 nucléotides sont identiques, ce qui donne un pourcentage de ressemblance de (150/156) x 100 = 96,15%	On peut donc considérer que les similitudes constatées au niveau nucléique traduisent une origine commune pour ces gènes qui codent ces deux molécules homologues. Ces gènes sont issus d'un même gène ancestral, et ils sont apparus par duplications géniques suivies de mutations indépendantes. Cette innovation génétique a conduit à des gènes codant pour des polypeptides ayant des fonctions différentes.

Deuxième partie : (8 points)

1) Soit A1 : allèle normal et A2 allèle de la maladie.

Si le père I_1 est sain	Si le père I_1 est atteint
H1 : l'allèle responsable de la maladie m est porté par le chromosome sexuel Y. (0,5 pt)	
Le garçon malade II_1 son père doit être malade car il hérite Y malade de son père. Or le père A_1 est sain, donc **H1 est rejetée.**	Le garçon II_1 est malade, il hérite Y malade de son père qui doit être malade. En effet son père est malade, donc **H1 est retenue.**
H2 : l'allèle responsable de la maladie m est récessif et porté par un autosome.(A1>A2) (0,5 pt)	
Le garçon II_1 est malade de génotype A2//A2 il hérite A2 de chacun des 2 parents sains qui sont hétérozygotes ce qui est possible. Donc **H2 est retenue.**	Le garçon II_1 est malade de génotype A2//A2 il hérite A2 de chacun des 2 parents dont l'un est malade A2//A2 et l'autre sain hétérozygote A1//A2, ce qui est possible. Donc **H2 est retenue.**
H3 : l'allèle responsable de la maladie m est dominant et porté par un autosome (A2>A1) (0,5pt)	
Le garçon II_1 est malade de génotype A2//A2 ou A2//A1 donc l'un des deux parents au moins doit être malade, ce qui n'est pas le cas car les deux parents sont sains. **H3 est rejetée**	Le garçon II_1 est malade de génotype A1//A2 hérite A1 de son parent sain A1//A1 et A2 de l'autre parent malade hétérozygote A2//A1. La fille II_2 saine de génotype homozygote A1//A1 elle hérite A1 de son parent sain et hérite A1 de son parent malade hétérozygote, ce qui est possible. **H3 est retenue.**
H4 : l'allèle responsable de la maladie m est récessif et porté par X (A1>A2) (0,5 pt)	
Le garçon II_1 est malade de génotype XA2//Y, il hérite Y de son père I_1 et XA2 de sa mère qui peut être de génotype hétérozygote XA1// XA2, saine. Donc **H4 est retenue.**	Le garçon II_1 est malade de génotype XA2//Y, il hérite Y de son père I_1 et XA2 de sa mère I_2 qui doit être malade génotype hétérozygote XA2// XA1, ce qui est possible. Donc **H4 est retenue.**
H 5 : l'allèle responsable de la maladie m est dominant et porté par X (A2>A1) (0,5 pt)	
Le garçon II_1 est malade de génotype XA2//Y, il hérite Y de son père I_1 et XA2 de sa mère I_2 qui doit être malade puisque la maladie est dominante et il hérite XA2 de sa mère malade, or la mère I_2 est saine, contradiction. **H5 est rejetée.**	

N.B : Acceptez toute autre méthode convaincante et logique.

2) La fille II_2 est saine homozygote pour le gène considéré, donc ce gène existe chez les individus de sexe féminin par suite il n'est pas porté par Y d'où **H1 est rejetée.**
Cette fille peut être A1//A1 ou XA1//XA1 par suite **H2, H3 et H4 sont encore possibles**. **(0,5 pt)**

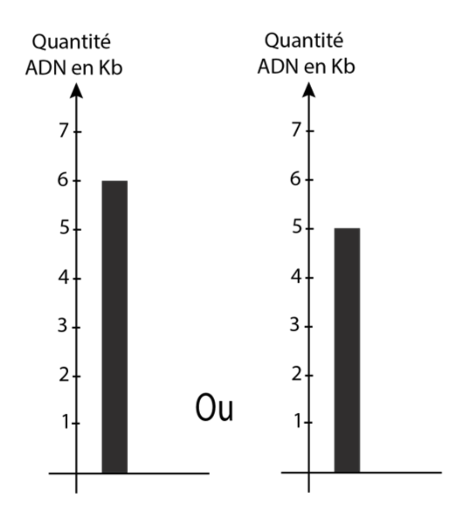
3) a) (2 pt)
La fille II_2 est homozygote saine, la quantité d'ADN correspondant à deux allèles normaux A1 est 6 KB donc celle d'un allèle **A1 est 3KB**.
La mère I_2 possède une quantité d'ADN < à celle de II_2 et elle est saine mais non homozygote donc elle est **hétérozygote** tel que la quantité d'ADN 5KB = celle de A1+celle de A2 d'où la quantité d'ADN de **A2 = 5 – 3 = 2 KB**.
La mère I_2 hétérozygote saine donc l'allèle normal A1 est dominant d'où la maladie est récessive.
H3 est rejetée.
Le garçon II_1 est malade : si la maladie est autosomale, il sera de génotype A2//A2 sa quantité d'ADN sera = 4KB. Or d'après le document1 cette quantité est 2KB celle d'un seul allèle A2 donc II_1 est hémizygote et la maladie est portée par X.
Ainsi, H2 est rejeté et H4 est validée. **La maladie est récessive portée par X.**

b) le père I_1 est de génotype XA1//Y donc il est sain. **(0,25 pt)**

c) I_2 : XA1//XA2 , II_1 : XA2//Y , II_2 : XA1//XA1 **(0,75 pt)**

4) a) (1 pt)
Le document 2 montre un caryotype normal d'une fille dont la formule chromosomique est :
2n = 46 = 22 paires d'autosomes + XX.
Le phénotype possible de cette future fille est saine car A1>A2 et cette fille doit hériter XA1 de son père I_1 elle sera saine quelque soit le X hérité de sa mère.
Ce fœtus serait de génotype XA1//XA1 ou XA1//XA2.

b) (0,5 pt)



c) Le document 3 montre que fœtus ne possède que l'allèle A1, alors il sera une fille saine de génotype XA1//XA1**(0,5 pt)**